动 物 学 研 究 2004, Aug. 25 (4): 298-303 CN 53-1040/Q ISSN 0254-5853
Zoological Research

两种缘毛类纤毛虫胞质Hsp70基因序列的克隆及其系统发育分析

傅诚杰[1,2], 缪 炜[1,2,*], 沈韫芬[2], 万明亮[2]
(1. 中国科学院东湖湖泊生态系统试验站 湖北 武汉 430072; 2. 中国科学院水生生物研究所 湖北 武汉 430072)

摘要: 克隆得到2种缘毛类纤毛虫——钟形钟虫(*Vorticella campanula*)和螅状独缩虫(*Carchesium polypinum*)的胞质Hsp70基因部分序列,长度均为438 bp,编码146个氨基酸。以细菌为外类群,利用最大似然法和邻接法构建包括其他5种纤毛虫在内的共26个物种的Hsp70基因氨基酸序列系统发育树,其拓扑结构显示:*V. campanula* 和 *C. polypinum* 聚在一起,并与另2种寡膜纲的嗜热四膜虫(*Tetrahymena thermophila*)及草履虫(*Paramecium tetraurelia*)聚为姊妹枝,提示了缘毛类纤毛虫为单系,且隶属于寡膜纲的系统发育地位。

关键词: 缘毛类纤毛虫; 胞质Hsp70基因; 系统发育
中图分类号: Q959.116; Q951.3 **文献标识码**: A **文章编号**: 0254-5853(2004)04-0298-06

Phylogenetic Analysis of Peritrichs Inferred from Cytosolic Hsp70 Gene Partial Sequences

FU Cheng-jie[1,2], MIAO Wei[1,2,*], SHEN Yun-fen[2], WAN Ming-liang[2]
(1. *Donghu Experimental Station of Lake Ecosystems, the Chinese Academy of Sciences, Wuhan* 430072;
2. *Institute of Hydrobiology, the Chinese Academy of Sciences, Wuhan* 430072, *China*)

Abstract: Cytosolic Hsp70 genes of two peritrichous ciliates (*Vorticella campanula* & *Carchesium polypinum*) were partially sequenced and the lengths are 438 bp, both encoding 146 amino acids. Using bacteria as the outgroup, the phylogenetic trees were constructed based on cytosolic Hsp70 amino acid sequences by maximum-likelihood (ML) and neighbor-joining (NJ) methods. The topology that *V. campanula* clustered with *C. polypinum*, and then formed a sister clade with another two species in Oligohymenophorea (*Tetrahymena thermophila* & *Paramecium tetraurelia*), suggested the monophyly of the peritrichs and their phylogenetic placement in the class Oligohymenophorea.

Key words: Peritrichs; Cytosolic Hsp70 gene; Phylogeny

尽管从最初发现缘毛类纤毛虫(Leeuwenhoek, 1674)至今已有300多年,然而基于形态结构的研究结果并未很好地解决其系统发育地位问题,目前采用的缘毛类纤毛虫隶属寡膜纲的分类系统也一直存在争论(Corliss, 1968; Finley, 1974; Corliss, 1974; Puytorac et al, 1984)。进入分子系统学研究阶段,Greenwood et al (1991) 最早以SSrRNA (small subunit rRNA) 基因序列作为分子标记研究了 *Opisthonecta henneguyi* 在纤毛虫中的系统发育地位,指出 *O. henneguyi* 与篮口纲(Nassophorea)纤毛虫的遗传距离小于 *O. henneguyi* 与寡膜纲中膜口类的遗传距离,因此建议提升缘毛类纤毛虫的分类地位。Miao et al (2003) 在对3种分子标记分析比较的基础上,利用SSrRNA基因序列对缘毛类纤毛虫的系统发育问题进行了有益的探讨,并进一步通过对13种纤毛虫的SSrRNA序列分析得出缘毛类纤毛虫应作为寡膜纲一个亚纲的分类地位(Miao et al, 2004)。尽管rRNA基因序列被认为是目前纤毛

收稿日期: 2004-03-15; 接受日期: 2004-05-14
基金项目: 中国科学院创新工程基金资助项目(220207); 东湖湖泊生态系统试验站开放基金资助项目(200405)
* 通讯作者(Corresponding author), Tel: 027-62559737, E-mail: miaowei530@yeah.net; miaowei@ihb.ac.cn

虫分子系统发育学研究中最常用和最可靠的分子标记之一（Tourancheau et al，1998；Miao et al，2001），可是其缺点也逐渐在一些系统发育的研究中显现出来。例如，由于 rRNA 中 G+C 含量的显著不同会引起系统树构建中人为因素的干扰等（Hasegawa & Hashimoto，1993；Leipe et al，1993；Galtier & Gouy，1995）。而编码蛋白的基因则具有对 G+C 含量不敏感的优势，因此，目前已有越来越多的编码保守蛋白的基因序列被用于建立纤毛门的分子进化树。例如利用微管蛋白和 3-磷酸甘油醛脱氢酶基因（Tourancheau et al，1998）、Hsp70 基因（Budin & Philippe，1998）以及组蛋白 H4 和 H3 基因（Bernhard & Schlegel，1998）分析纤毛虫主要类群的系统关系，以 DNA 聚合酶 α 基因（Hoffman & Prescott，1997）为分子标记讨论了下毛类纤毛虫（hypotrichous ciliates）的系统关系等。可是这些编码蛋白序列获得的结果与以往的 rRNA 进化树间都存在着或多或少的差异（Germot & Philippe，1999）。Philippe & Adoutte（1998）指出没有一种简单的基因能够提供完整的分子进化信息，必须通过不同的发育树来分析得到相互间一致可信的结论。为使分子系统发育树更真实地反映物种树，需要对多基因和大量 DNA 序列进行分析，从而最大限度地缩小两者间的差别（Zhang，1996）。探讨缘毛类纤毛虫的系统发育问题也不例外。

70 kDa 热休克蛋白（heat-shock protein 70，Hsp70）是生物进化中高度保守的一类蛋白质。作为一种有效的分子标记，已经在众多的研究对象和不同的分类水平上得到了应用：分析古细菌、真细菌和真核生物间的进化关系（Gupta & Golding 1993）；建立真核生物类群（Budin & Philippe，1998）、"具泡界"（腰鞭虫、纤毛虫和顶复门类群）（Fast et al，2002）的系统发育关系；推断鞭毛虫种类的毛滴虫属的系统发育地位（Germot & Philippe，1999）等。但尚未用于缘毛类纤毛虫的系统发育研究。本文选取缘毛类纤毛虫的代表种钟形钟虫和螅状独缩虫，分别克隆得到其胞质 Hsp70 基因的片段，通过氨基酸序列构建最大似然（ML）树与邻接（NJ）树，对缘毛类纤毛虫的系统发育地位问题进行了相应的探讨。

1 材料与方法

1.1 纤毛虫样品的采集、分离和 DNA 提取

钟形钟虫（*Vorticella campanula*）、螅状独缩虫（*Carchesium polypinum*）均采自武汉东湖。参照 Miao et al（2001）的方法分离和收集。对于每个种类，至少收集 100 个个体。用灭菌双蒸水洗数遍后置于裂解液（100 mmol/L NaCl，10 mmol/L Tris-HCl pH 7.8，10 mmol/L EDTA，0.2% SDS，0.2 mg/mL proteinase K）中，50 ℃水浴 12～20 h 后待提 DNA，或于 4 ℃下冻存。

样品经裂解后，用酚/氯仿（Phenol/Chloroform）法抽提大核 DNA（Sambrook et al，1989），将 DNA 溶于 TE（pH 8.0）中，于 4 ℃保存备用。

1.2 Hsp70 基因序列片段的 PCR 扩增和测序

PCR 扩增所用引物根据胞质 Hsp70 基因具有的 ATPase 活性的高度保守区域设计，正向引物：5′-GGA ATT GAC TTG GGA ACT AC-3′，对应于氨基酸序列 GIDLGT；反向引物：5′-TCG TTG AAG TAA GCT GG-3′，对应于氨基酸序列 PAYFND。

PCR 反应体积为 25 μL，反应前 94 ℃预变性 10 min；94 ℃变性 1 min，50 ℃退火 1 min，72 ℃延伸 1 min，共 35 个循环；72 ℃再延伸 10 min。PCR 产物用 Glassmilk（Biostar）纯化回收后，连接到 T-Vector（Promega）上，再转化到 *E. col* TopF[1] 中，选取含有目的插入片段的样品进行测序，测序在自动测序仪（Applied Biosystems 377 Stretch）上完成。

1.3 分子系统发育树的构建

利用编码蛋白基因 Hsp70 的部分氨基酸序列，以两种细菌（*Salmonella typhimurium*，*Vibrio fluvialis*）为外类群构建系统发育树，用于建树的 26 种生物包括了目前 GenBank 中具有胞质 Hsp70 基因序列的所有5种纤毛虫（*E. eurystomus*，*E. aediculatus*，*P. tetraurelia*，*T. thermophila*，*M. crassus*）（表 1）。DNA 序列与氨基酸序列用软件 Clustal X 1.81（Thompson et al，1997）进行了排序和人工校正，排序中的裂缝（gap）作为缺失处理。对氨基酸序列，利用 PAUP* 4.0 软件（Swofford，1998）中的邻近距离法（neighbor-joining，NJ）（Saitou & Nei，1987）构建分子进化树，并计算 7 种纤毛虫的遗传距离（*D*-distance）。利用 PUZZLE（Strimmer & von Haeseler，1996）软件的 HKY 进化模型（Hasegawa et al，1985）构建最大似然（maxi-

表1 用于序列分析和构建系统树的26个物种的Hsp70序列情况

Table 1 Introduction of Hsp70 sequences of 26 species used for sequence analyze and phylogenetic tree construction

物种 Species	序列长度 Squence length		登录号 Accession number	文献 Reference
	Nucleotide (bp)	Amino acid		
Artemia franciscana	435	145	AF427596	Chen & MacRae, Unpubl.
Babesia bovis	438	146	AF107118	Ruef et al, 2000
Candida albicans	435	145	Z30210	Valle et al, 1995
Carchesium polypinum	438	146	**AY561304**	本文
Cotesia rubecula	435	145	AY150371	Asgari et al, 2003
Cryptosporidium serpentis	438	146	AF221541	Sulaiman et al, 2000
Cryptosporidium sp. #691	438	146	AF221540	Sulaiman et al, 2000
Cyprinus carpio	435	145	AY219845	Ali et al, 2003
Danio rerio	435	145	L77146	Graser et al, 1996
Euplotes aediculatus	438	146	AF031353	Budin & Philippe, 1998
Euplotes eurystomus	438	146	L15292	Hauser et al, Unpubl.
Lycopersicon esculentum	438	146	X54029	Lin et al, 1991
Moneuplotes crassus	444	148	AJ344550	Reidt, Unpubl.
Nicotiana tabacum	438	146	AY253326	Drincovich et al, Unpubl.
Parastrongyloides trichosuri	438	146	AF278536	Howes, Unpubl.
Paramecium tetraurelia	438	146	AF031360	Budin & Philippe, 1998
Petuniax hybrida	438	146	X13301	Winter et al, 1998
Plasmodium cynomolgi	438	146	M90978	Eckert et al, 1992
Plasmodium falciparum	438	146	M19753	Yang et al, 1987
Saccharomyces cerevisiae	435	145	L22015	Fisk & Cherry, Unpubl.
Salmonella typhimurium	429	143	NP_459017	McClelland et al, 2001
Spinacia oleracea	438	146	AF034618	Li & Guy, Unpubl.
Tetrahymena thermophila	438	146	AY442308	Miao & Wan, Unpubl.
Theileria annulata	438	146	J04653	Mason et al, 1989
Vibrio fluvialis	426	142	AY498658	He et al, Unpubl.
Vorticella campanula	438	146	**AY442307**	本文

mum-likelihood, ML）树。进化树各分支置信度由Bootstrap法（Felsenstein, 1985）检验，均用1 000次循环重抽样进行统计评价。用TreeView（Page, 1996）软件读取系统发育树文件。

2 结果与分析

2.1 DNA序列与氨基酸序列

克隆得到的钟形钟虫和螅状独缩虫的胞质Hsp70基因的部分序列的登录序列号分别为：AY442307和AY561304，长度均为438 bp，编码146个氨基酸。纤毛虫的胞质Hsp70基因序列与动物、植物和真菌的Hsp70基因DNA序列长度（435 ~438 bp）和氨基酸序列长度（145 ~ 146个氨基酸）相接近，而比细菌的Hsp70基因序列（DNA序列长度为426 ~ 429 bp，编码142 ~ 143个氨基酸）要长。

以氨基酸序列计算纤毛门物种间的遗传距离列于表2中。寡膜纲的 *V. campanula*、*C. polypinum*、*P. tetraurelia* 和 *T. thermophila* 与旋毛类类群间（*E. eurystomus*、*E. aediculatus*、*M. crassus*）的遗传距离平均值分别为0.2215、0.2055、0.1849和0.2009。

2.2 系统发育树

构建的ML树和NJ树(图1)的拓扑结构基本

表 2 7种纤毛虫的遗传距离

Table 2 Genetic distances of the 7 ciliate species

	C. polypinum	*V. campanula*	*P. tetraurelia*	*T. thermophila*	*E. eurystomus*	*E. aediculatus*	*M. crassus*
C. polypinum	0.0000						
V. campanula	0.0890	0.0000					
P. tetraurelia	0.1712	0.1918	0.0000				
T. thermophila	0.1849	0.1712	0.1370	0.0000			
E. eurystomus	0.1918	0.2055	0.1712	0.1849	0.0000		
E. aediculatus	0.1986	0.2123	0.1644	0.1712	0.0479	0.0000	
M. crassus	0.2260	0.2466	0.2192	0.2466	0.1849	0.1849	0.0000

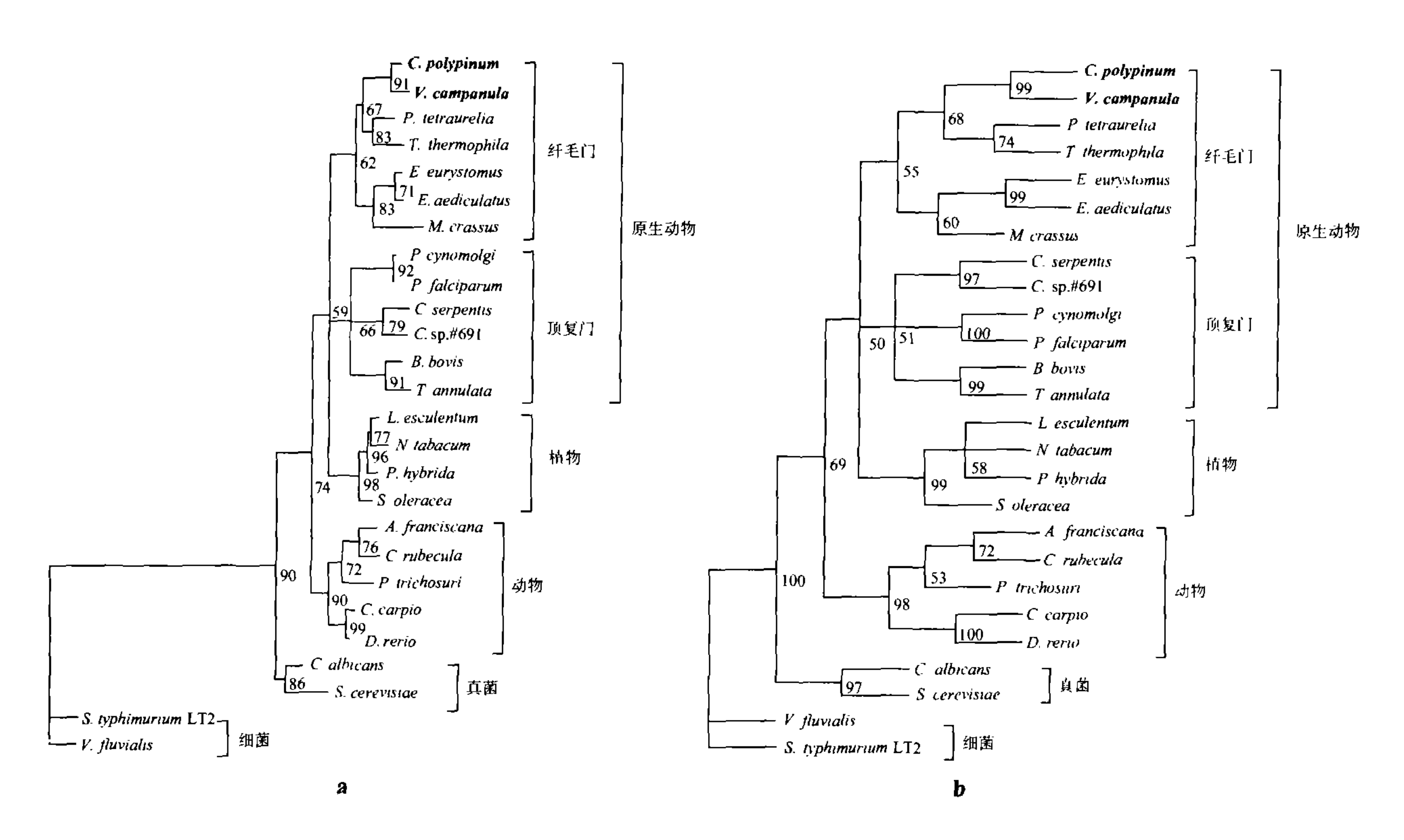


图 1 基于 Hsp70 氨基酸序列利用 ML 法（a）和 NJ 法（b）构建的 26 个物种的系统发育树

Fig.1 ML (a) & NJ (b) phylogenetic tree of 26 species based on Hsp70 gene amino acid sequences

一致:原核生物与真核生物明显地分为两支;真核生物又分为 3 枝:真菌(ML:90%;NJ:100%)、动物(ML:74%;NJ:69%)、植物和原生动物(ML:59%;NJ:50%);6 种属于顶复门(Apicomplexa)的寄生原生动物聚为一枝(ML:66%;NJ:51%),7 种纤毛虫聚在一起(ML:62%;NJ:55%)。在纤毛虫枝中，缘毛类纤毛虫 *V. campanula* 和 *C. polypinum* 聚在一起(ML: 91%; NJ: 99%)，并与另 2 种属于寡膜纲种类的嗜热四膜虫（*Tetrahymena thermophila*）及草履虫（*Paramecium tetraurelia*）聚为姊妹枝（ML: 67%; NJ: 68%）。

3 讨 论

图 1 显示，缘毛类纤毛虫在系统发育树中聚为一枝，同时与咽膜亚纲的种类 *P. tetraurelia* 以及膜口亚纲的种类 *T. thermophila* 一起组成了寡膜纲这一独立分枝。这与利用 SSrRNA 序列分析得到的结果一致，支持寡膜纲及缘毛类均为单系，且缘毛类纤毛虫应隶属于寡膜纲的观点（Miao et al, 2001; Miao et al, 2004），进一步丰富了缘毛类纤毛虫分子系统学数据，明确了其分类地位。同时，通过氨基酸序列得到的遗传距离显示：在纤毛门各类群

中，咽膜亚纲与另一大类群——旋毛纲在亲缘关系上最近，膜口亚纲次之，而缘毛类最远。这一结果与利用SSrRNA基因序列所得到的亲缘关系计算结果一致（Miao et al，2004），也表明以Hsp70基因序列为分子标记分析高阶元类群间系统发育关系的可靠性较高。

以往在寡膜纲各类群间的系统发育关系上的研究存在许多争议。Lom et al（1968）对缘毛类纤毛虫的表膜下纤毛系和口器的超微结构、Bardele（1981）对纤毛膜的分析结果均得出缘毛亚纲与盾纤亚纲之间的亲缘关系较近的结论。Greenwood et al（1991）与Miao et al（2001）通过SSrRNA基因序列分析得出缘毛亚纲与咽膜亚纲之间的亲缘关系更近。而Miao et al（2004）在增加了更多的缘毛类纤毛虫种类基础上，对SSrRNA基因序列分析后，得出缘毛类纤毛虫与膜口亚纲之间的遗传距离明显大于与大部分咽膜亚纲及盾纤亚纲间的遗传距离；但同时又得出与咽膜亚纲及盾纤亚纲个别种类的遗传距离很远的结果。使得寡膜纲各类群间的系统发育关系更趋复杂。本文得到的寡膜纲各类群间的分枝情况和遗传距离均显示咽膜亚纲与膜口亚纲亲缘关系更近，聚为一枝，而与缘毛亚纲亲缘关系较远，这与超微结构及SSrRNA基因序列分析的部分结果均不同，进一步说明了寡膜纲各类群间复杂的系统发育关系。由于缺少盾纤亚纲种类的Hsp70基因序列，因而尚需丰富缘毛类及寡膜纲其他类群纤毛虫相应的序列数据，以解决相应的系统发育问题。

致谢：中国科学院昆明动物研究所庞峻峰博士为本文构建系统发育树的数据处理提供了许多帮助，特表示感谢。

参考文献：

Bardele CF. 1981. Functional and phylogenetic aspects of the ciliary membrane: A comparative freeze-fracture study [J]. *BioSystems*, **14**: 403-421.

Bernhard DD, Schlegel M. 1998. Evolution of histone H4 and H3 gene in different ciliate lineages [J]. *J. Mol. Evol.*, **46**: 344-354.

Budin K, Philippe H. 1998. New insights into the phylogeny of eukaryotes based on ciliate Hsp70 sequences [J]. *Mol. Biol. Evol.*, **15**: 943-956.

Corliss JO. 1968. The value of ontogenetic data in reconstructing protozoan phylogenies [J]. *Trans. Amer. Micros. Soc.*, **87**: 1-20.

Corliss JO. 1974. The changing world of ciliate systematics: Historical analysis of past efforts and a newly proposed phylogenetic scheme of classification for the protistan phylum Ciliophora [J]. *Syst. Zool.*, **23**: 91-138.

Corliss JO. 1979. The Ciliated Protozoa: Characterization, Classification and Guide to the Literature. 2nd ed. [M]. New York: Pergamon Press.

Fast NM, Xue L, Bingham S, Keeling PJ. 2002. Re-examining alveolate evolution using multiple protein molecular phylogenies [J]. *J. Eukaryot. Microbiol.*, **49**: 30-37.

Felsenstein J. 1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap [J]. *Evolution*, **39**: 783-791.

Finley HE. 1974. The peritrichs, now and then: 1676 to 1973 [J]. *Trans. Amer. Micros. Soc.*, **93**: 307-313.

Galtier N, Gouy M. 1995. Inferring phylogenies from DNA sequences of unequal base compositions [J]. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **92**: 11317-11321.

Germot A, Philippe H. 1999. Critical analysis of eukaryotic phylogeny: A case study based on the Hsp70 family [J]. *J. Eukaryot. Microbiol.*, **46**: 116-124.

Greenwood SJ, Sogin ML, Lynn DH. 1991. Phylogenetic relationships within the class Oligohymenophorea, phylum Ciliophora, inferred from the complete small subunit rRNAgene sequences of *Colpidium campylum*, *Glaucoma chattoni*, and *Opisthonecta henneguyi* [J]. *J. Mol. Evol.*, **33**: 163-174.

Gupta RS, Golding GB. 1993. Evolution of Hsp70 gene and its implications regarding relationships between archaebacteria, eubacteria, and eukaryotes [J]. *J. Mol. Evol.*, **37**: 573-582.

Hasegawa M, Hashimoto T. 1993. Ribosomal RNA trees misleading [J]. *Nature*, **361**: 23.

Hasegawa M, Kishino H, Yano T. 1985. Dating of the human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA [J]. *J. Mol. Evol.*, **21**: 160-174.

Hoffman DC, Prescott DM. 1997. Phylogenetic relationships among hypotrichous ciliates determined with the macronuclear gene encoding the large, catalytic subunit of DNA polymerase α [J]. *J. Mol. Evol.*, **45**: 301-310.

Leeuwenhoek AV. 1674. More observations from Mr. Leeuwenhoek, in a letter of 7 September 1674, sent to the publisher [J]. *Phil. Trans. Roy. Soc.*, **9**: 178-182.

Leipe DD, Gunderson JH, Nerad TA, Sogin ML. 1993. Small subunit ribosomal RNA + of *Hexamita inflate* and the quest for the first branch in the eukaryotic tree [J]. *Mol. Biochem. Parasitol.*, **59**: 41-48.

Lom J, Corliss JO, Noirotti C. 1968. Observations on the ultrastructure of the buccal apparatus in thigmotrich ciliates and their bearing on thigmotrich-peritrich affinities [J]. *J. Protozool.*, **15**: 824-840.

Miao W, Yu YH, Shen YF. 2001. Phylogenetic relationships of the subclass peritrichia (Oligohymenophorea, Ciliophora) with emphasis on the genus *Epistylis*, inferred from small subunit rRNA gene sequences [J]. *J. Eukaryot. Microbiol.*, **48**: 583-587.

Miao W, Zhang XY, Yu YH. 2003. Phylogenetic position of peritrichs based on three kinds of molecular markers [J]. *Zool. Res.*, **24** (1): 1-10. [缪 炜，张锡元，余育和，沈韫芬. 2003. 利用三种分子标记研究缘毛类纤毛虫的系统发育学地位. 动物学研究，**24** (1): 1-10.]

Miao W, Feng WS, Yu YH. 2004. Phylogenetic relationships of the

subclass Peritrichia (Oligohymenophorea, Ciliophora) inferred from small subunit rRNA gene sequences [J]. *J. Eukaryot. Microbiol.*, **51**: 180-186.

Page RDM. 1996. TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers [J]. *Computer Applications in the Biosciences*, **12**: 357-358.

Philippe H, Adoutte A. 1998. The molecular phylogeny of Eukaryota: Solid facts and uncertainties [A]. In: Coombs G, Vickerman K, Sleigh M, Waren A. Evolutionary Relationships among Protozoa [M]. London: Chapman & Hall. 25-56.

Puytorac P, Grain J, Legengre P, Devaux J. 1984. Essai d'application de l'analyses phénétique à laclassification du phylum des Ciliophora [J]. *J. Protozool.*, **31**: 496-507.

Saitou N, Nei M. 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees [J]. *Mol. Phylogenet. Evol.*, **4**: 406-425.

Strimmer K, von Haeseler A. 1996. Quartet puzzling: A quartet maximum-likelihood method for reconstructing tree topologies [J]. *Mol. Biol. Evol.*, **13**: 964-969.

Swofford DL. 1998. PAUP*: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (* and other methods), Version 4 [CP]. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.

Thompson JD, Gibson TJ, Plewniak F. 1997. The Clustal X windows interface: Flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools [J]. *Nucleic Acids Research*, **25**: 4876-4882.

Tourancheau AB, Villalobo E, Tsao N, Torres A, Pearlman RE. 1998. Protein coding gene trees in ciliates: Comparison with rRNA-Based phylogenies [J]. *Mol. Phy. Evol.*, **10**: 299-309.

Zhang YP. 1996. From DNA sequences to the species phylogenetic tree [J]. *Zool. Res.*, **17**: 247-252. [张亚平. 1996. 从 DNA 序列到物种树. 动物学研究, **17**: 247-252.]

科学出版社生命科学编辑部新书推介

《细胞生物学导学》

主　编：李先文、张苏锋、袁正仿、陈世锋

2004年6月出版

ISBN 7-03-013319-6/Q.1412

B5开，定价：28.00元

本书是高等院校细胞生物学专业的教学辅导书。本书以当今最有影响的几部《细胞生物学》教科书的知识体系为基本框架，首先用简洁的文字概括地介绍了细胞生物学各个领域的基本知识及其研究状况。进而，站在学科发展与专业人才培养的高度上拟订了学习要求、重点难点等学习指导性纲要。然后，在明确基本概念的基础上，提出有启发性的问题并给予解答，尤其对有歧义的问题作出了合理的分析。每章都配有要点提示及强化练习。书末还配有自测题和研究生招生模拟试题，所有题目均备有参考答案。

本书适合作为高等院校生命科学专业的初学者及考研生的参考书，也适合教师教学参考。

《组织工程》(影印版)

2004年6月出版

ISBN 7-03-013407-9/Q.1425

大16开，定价：¥55.00

本书是 Prentice Hall 出版社新近推出的生物工程原理与应用丛书之一，全面阐释了主要生理组织的当前生物医学工程研究，包括心血管、内分泌、神经、视觉、听觉、消化和呼吸系统。主要分为四部分：定量细胞和组织生物学，包括组织块、组织动力学、形态发生、干细胞、细胞程序与调和等；细胞和组织分化，包括高通量生物学数据、细胞和组织特性、细胞和组织培养和基因转移等；工程学方法与设计，包括时间常数、缩放比例、细胞分离、生物材料成型与制作等；临床应用，包括常规方式、宿主适应和治疗性组织的生产等。

本书为读者提供了众多实用的定义、生理基础数据表格以及参考书目、索引，同时，还介绍了骨髓、骨骼肌和软骨等组织器官的组织工程。此外，还提出了组织工程研究中的一些难点和重点问题。通过阅读本书，读者会对组织工程及其细胞生物学基础有一个全面清晰的了解，也会获得更多创新的想法来进一步探索这一日益发展并且壮大的研究领域。

本书适合生物工程、生物材料、生物医学、生物化学、分子生物学以及医学等相关研究领域的高年级本科生、研究生以及教学科研人员参考使用。

(下转第340页)